

Chingolos

Ana Barreira

11/10/2020

PATRONES DE COLORACION CHINGOLOS

1) *ESPECTROFOTOMETRIA*

Con Pablito hicimos una prueba piloto midiendo espectros de reflectancia en tres posiciones de la cabeza. Siguiendo una linea recta en la cabeza yendo de un ojo al otro, medimos reflectancia en tres puntos (medidas 1 a 3) para luego comparar el promedio de estas tres mediciones entre ejemplares (Figura 1).



Figure 1: Puntos de medicion de reflectancia

Ademas medimos la espalda en el centro arriba (4) y el costado del collar rufo (medicion 5, del lado que mejor se veia porque a veces queda escondido en el cuello de la piel)

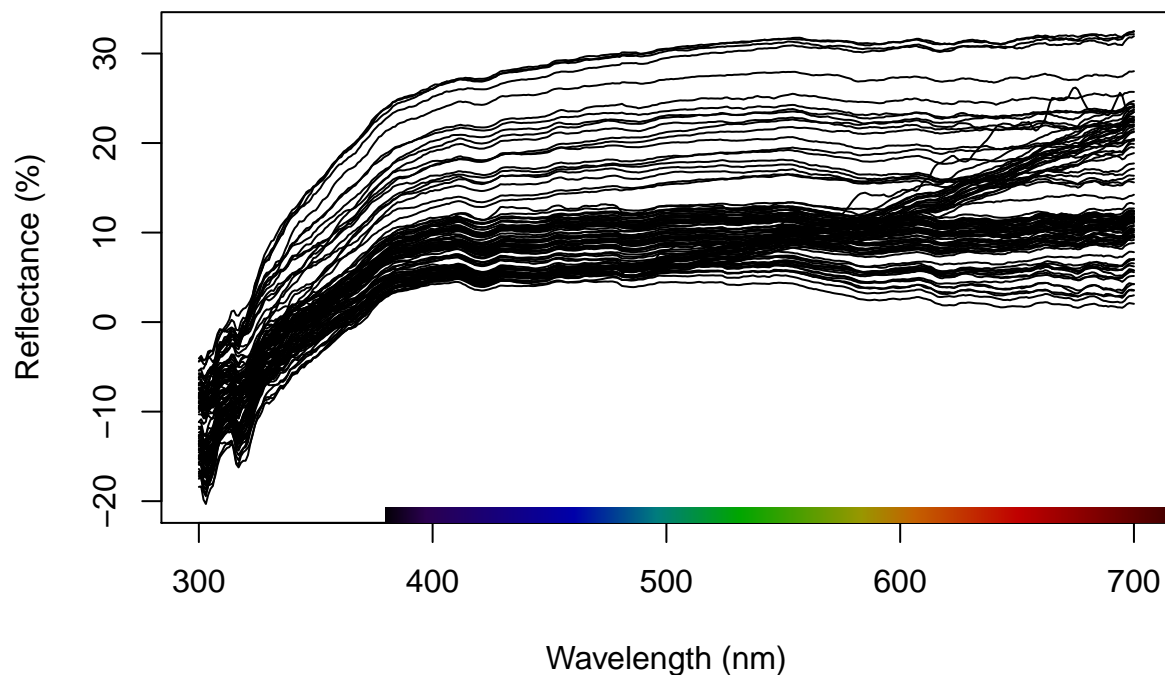
```
library(pavo)
```

```
## Welcome to pavo 2! Take a look at the latest features (and update your bibliography) in our recent p
```

```
chingos <- getspec("/Users/Ana/Desktop/Coloracion_chingolos/Spectra", ext =  
  "txt", decimal = ",", subdir = TRUE, subdir.names = FALSE)
```

```
## 100 files found; importing spectra:
```

```
#visualizar los espectros, como para ver que sean mas o menos lo que esperamos  
plot(chingos)
```



```
#promediar los espectros que son replicas de un mismo individuo. En este caso  
#tomamos tres puntos por bicho (5 veces cada punto), asi que by = 5. Ojo aca hay  
#que chequear que no falte ninguno y que queden correlativos en la carpeta para  
#que los promedios de a 3 correspondan al mismo individuo y la misma medicion.  
#Podriamos promediar los 15, pero lo hago por medicion para que podamos ver si  
#queremos comparar algun punto de medicion en particular, o el color de la  
#cabeza en general, o ambos.
```

```
chingos_bymeasurement <- aggspec(chingos, by = 5, FUN = mean)
```

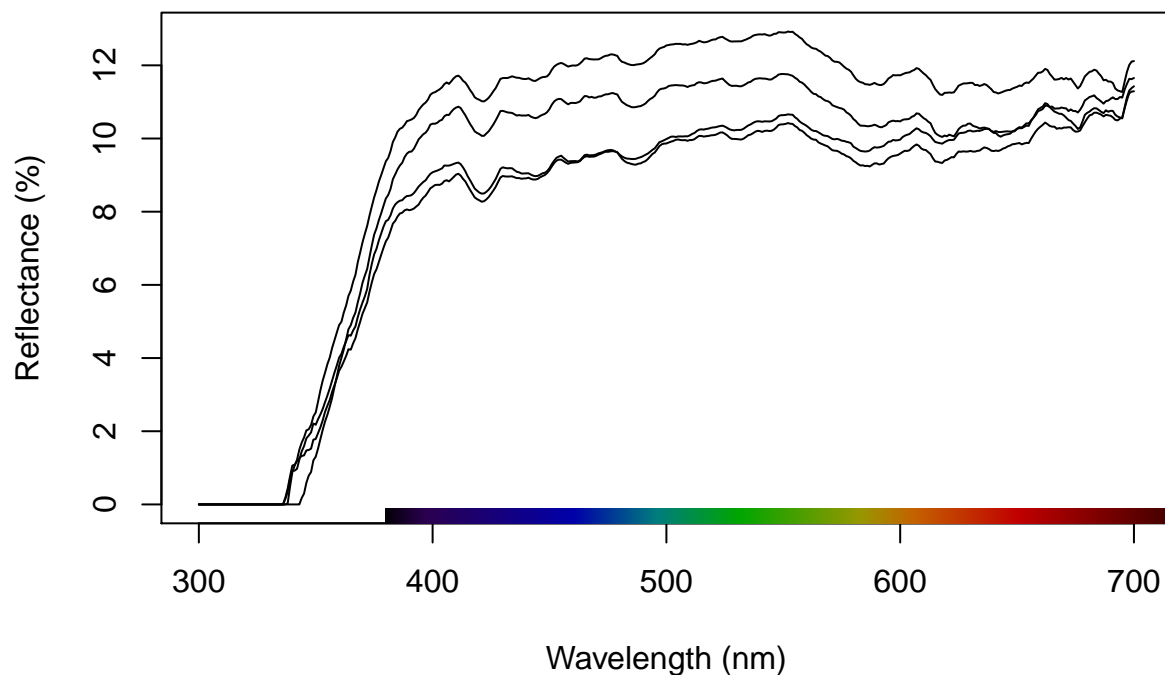
```
#eliminar valores negativos (si hay)
chingos_bymeasurement_sn <-procspec(chingos_bymeasurement, fixneg='zero')
```

```
## processing options applied:
## Negative value correction: converted negative values to zero
```

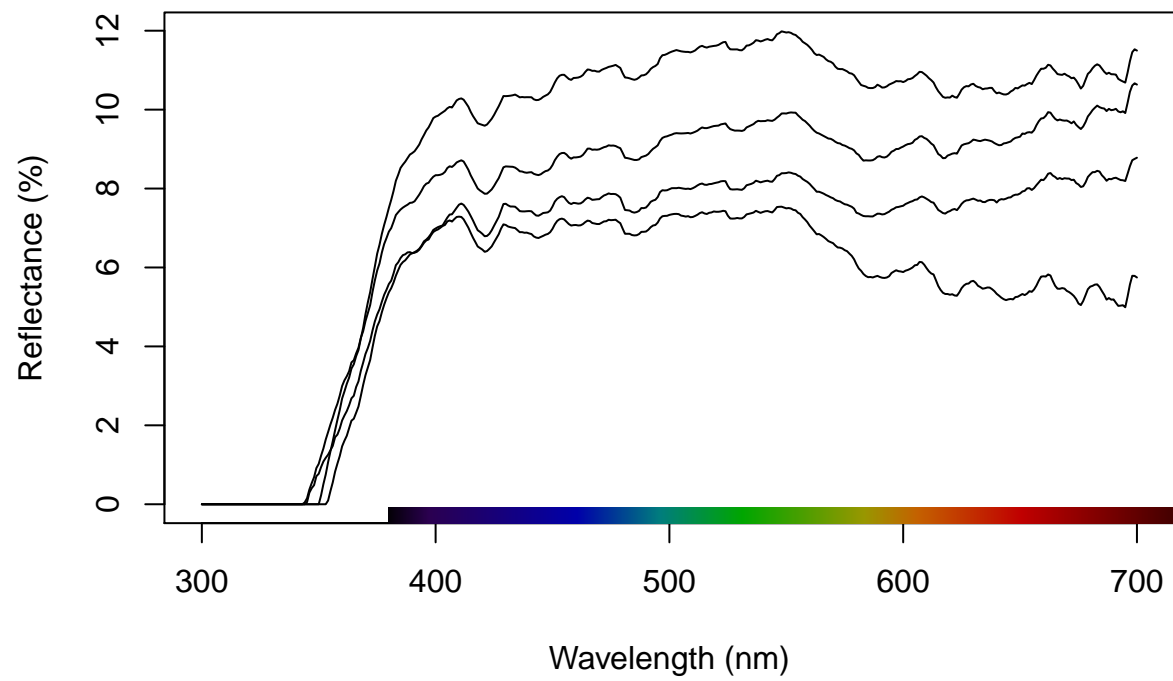
```
#ahora hacemos subgrupos de espectros en base a los parches, tenemos que tener 4
#espectros para cada uno de los 5 parches (74042 y 74051 son bichos
#"australis-like" y 74010 y 74019 son "elresto-like")
```

```
chingos_p1 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_1_")
chingos_p2 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_2_")
chingos_p3 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_3_")
chingos_p4 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_4_")
chingos_p5 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_5_")
```

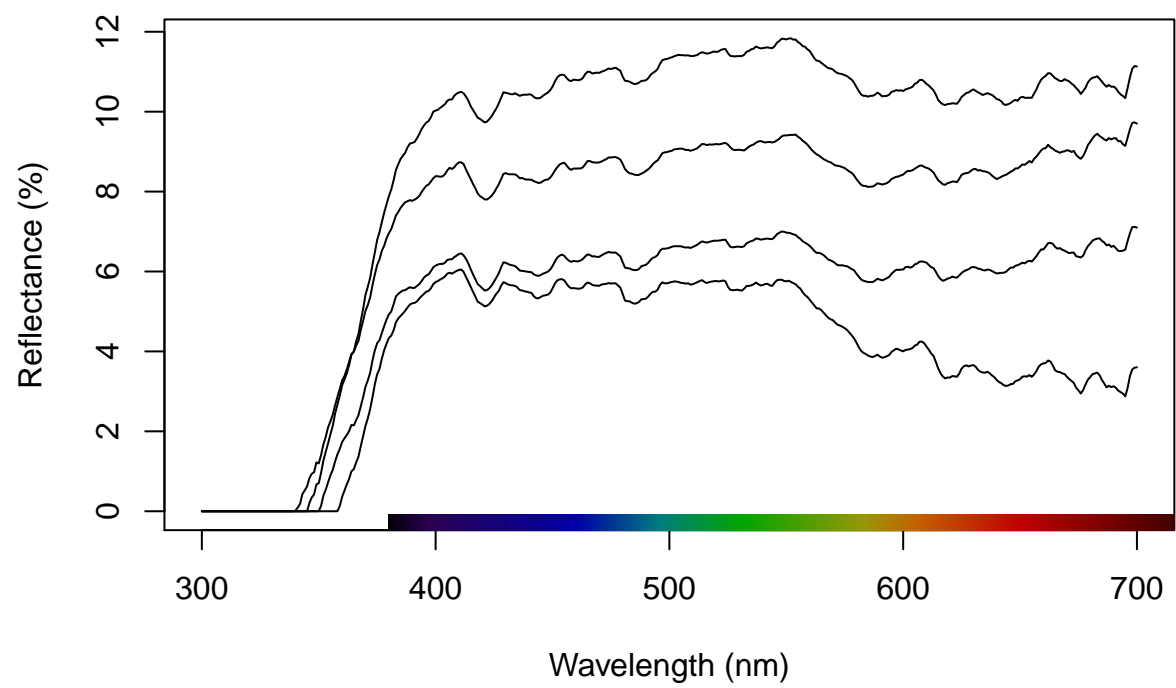
```
plot(chingos_p1)
```



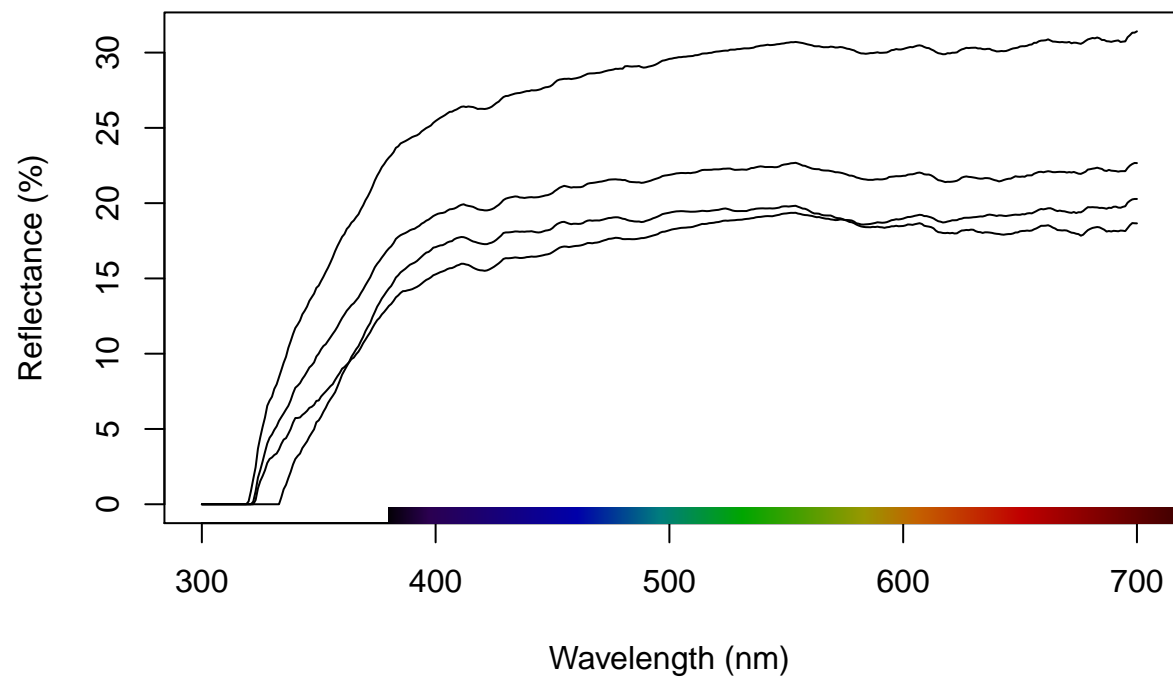
```
plot(chingos_p2)
```



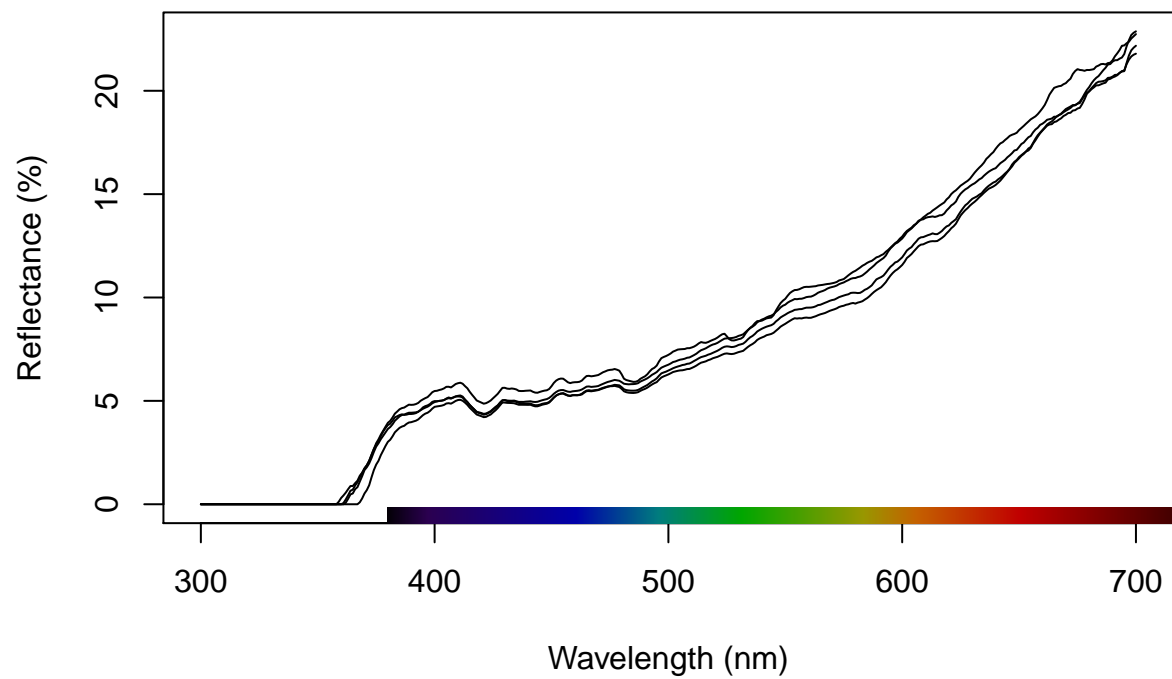
```
plot(chingos_p3)
```



```
plot(chingos_p4)
```

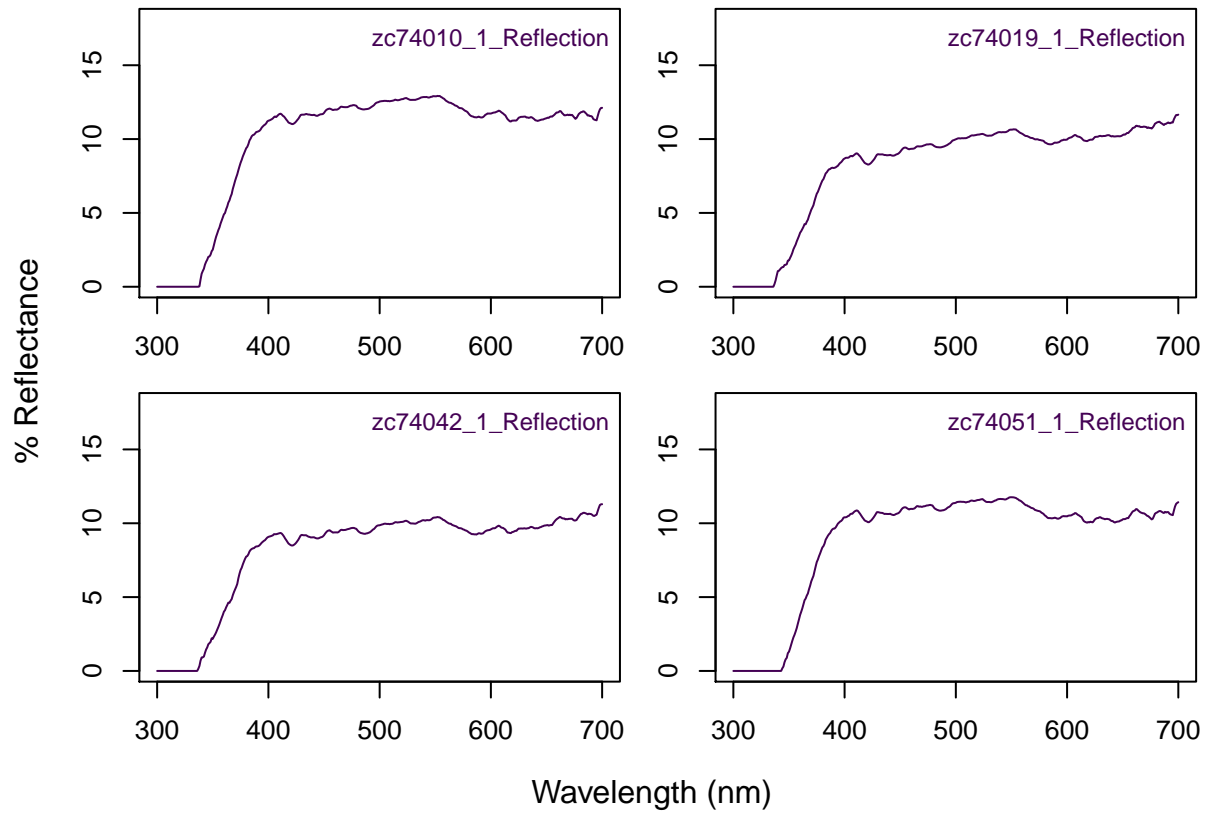


```
plot(chingos_p5)
```



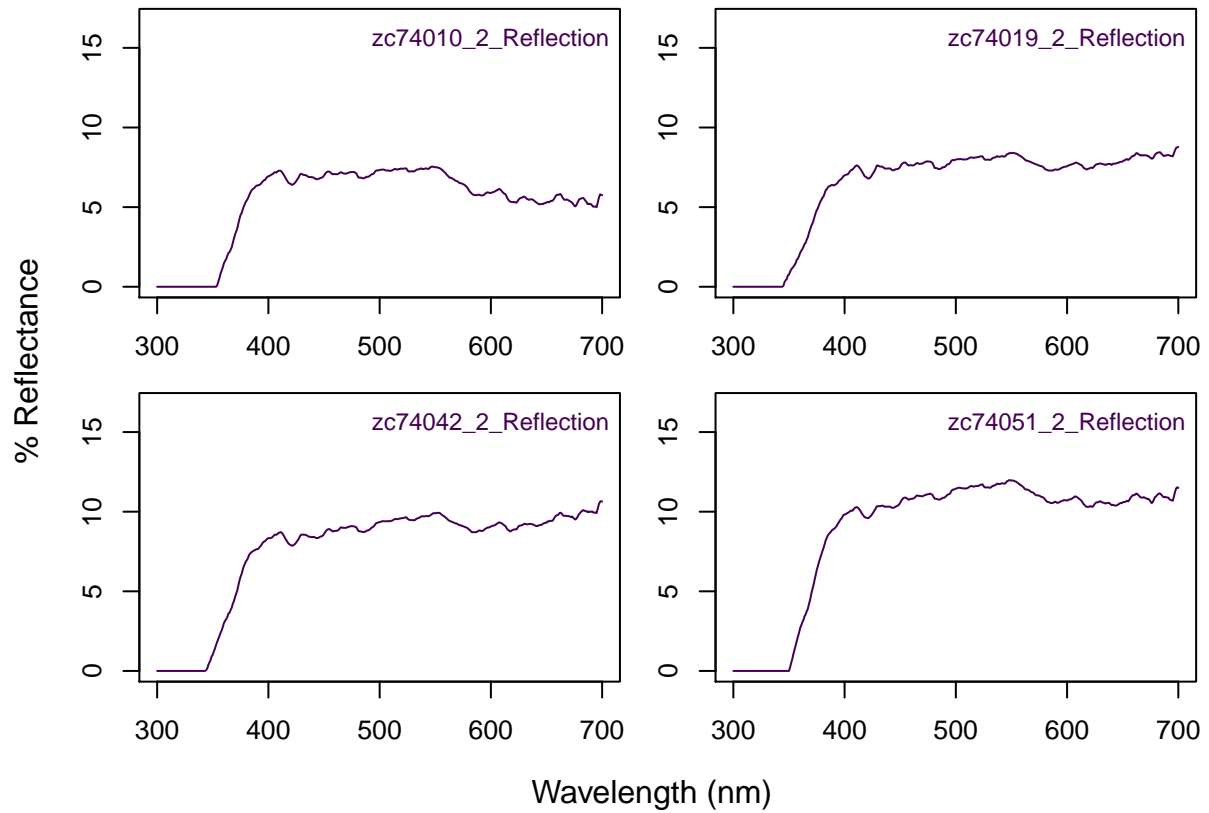
El parche 5 (collar rufo) muestra que todos los bichos son similares... no separaria por subespecie. El resto muestra variacion pero habria que ver si los agrupa por subespecie o son diferencias interindividuales...

```
explorespec(chingos_p1)
```



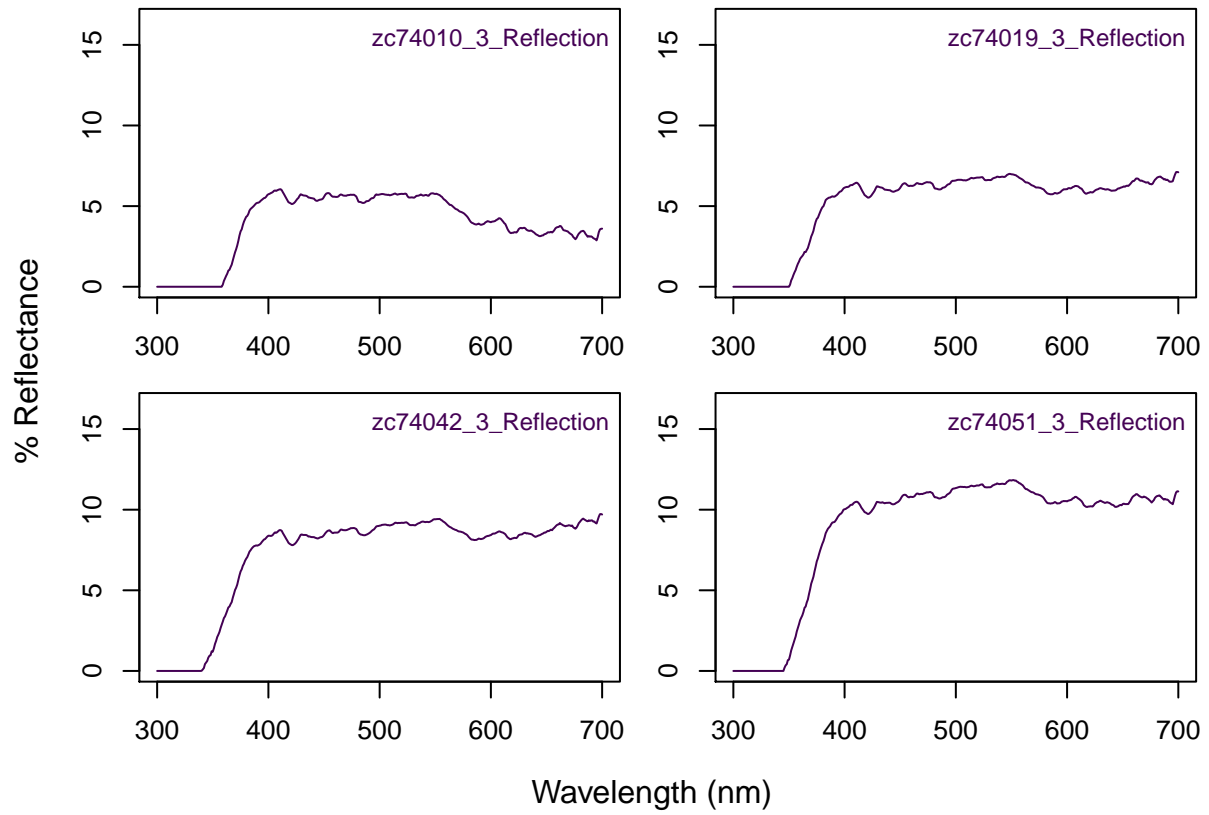
*#el ploteo por individuo muestra que los dos que tienen reflectancia mas baja
#son uno de cada uno de los morfos... en principio este parche no diferenciaria*

```
explorespec(chingos_p2)
```

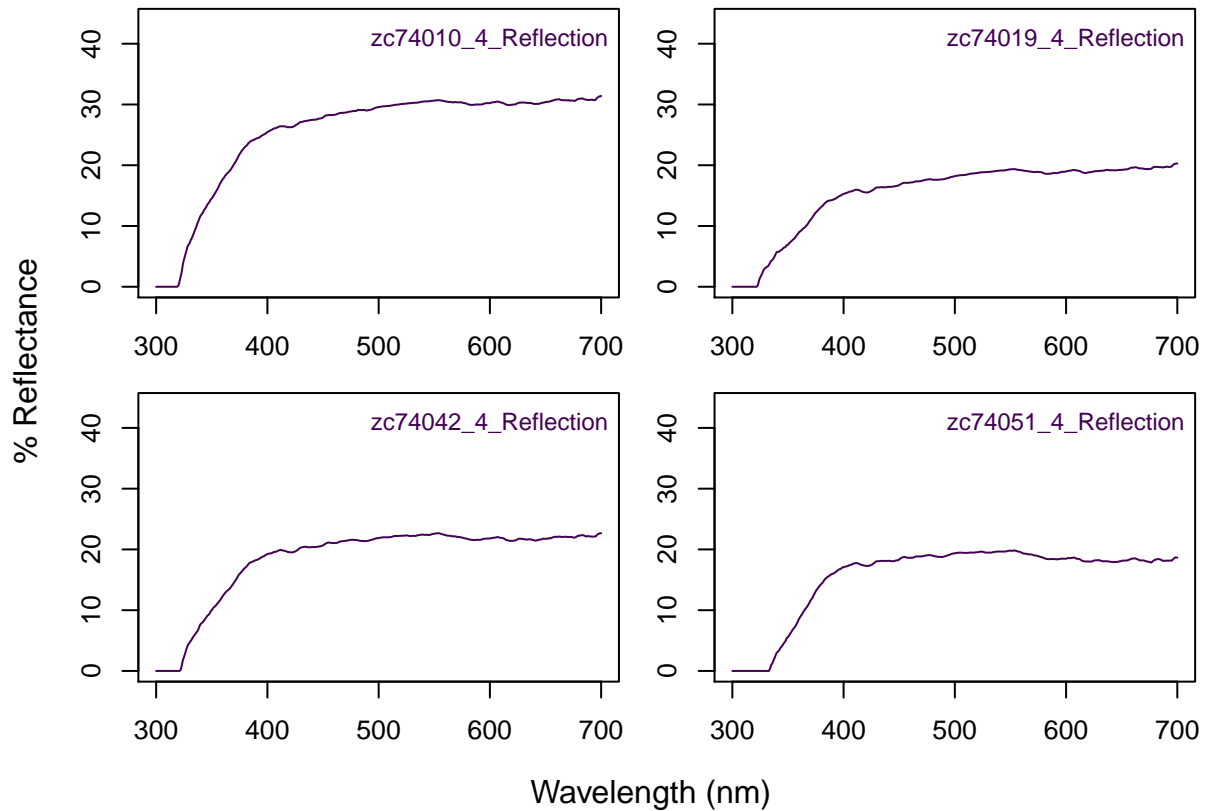
*#en este caso 10 y 19 tienen valores menores (<10% reflectancia), consistentes
#con sus franjas negras mas pronunciadas, mientras que 42 y 51 estan alrededor
#de 10%.*

```
explorespec(chingos_p3)
```



#lo mismo pasa en 3, consistente con 2 y lo esperado

```
explorespec(chingos_p4)
```



*#en la espalda parece que uno de los chingolos "normales" tiene reflectancia mas
#alta que el resto, pero no parecen agrupados por subespecie.*

Voy ahora a agrupar por “subespecie” y graficar con media y desvio para ver si en estas dos muestras por grupo se aprecian diferencias significativas, aunque obviamente no es lo mas correcto ni mucho menos. Tengo que renombrar los espectros para poder agruparlos... Bajar CSV, modificar nombres y volver a cargar.

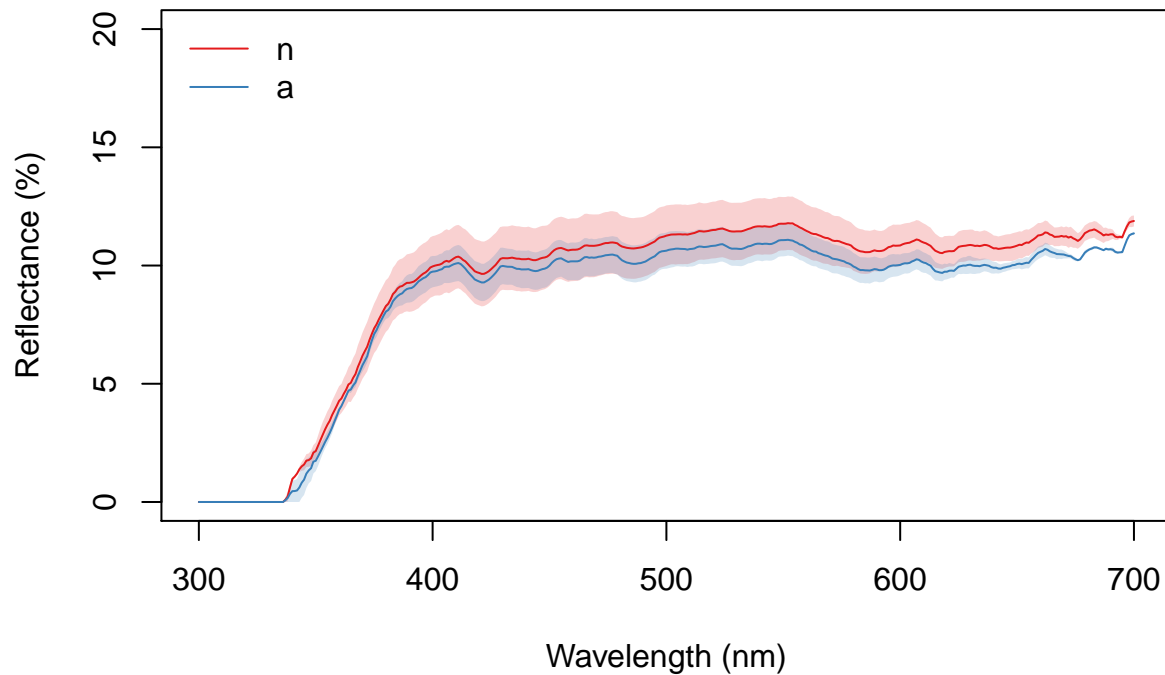
```
#renombrar las columnas para que incluyan el nombre de la "subespecie"
 #(normal=con barras; gris= australis)
nombres_p1<-c("n_74010_1", "n_74019_1", "a_74042_1", "a_74051_1")
colnames(chingos_p1)[2:5]<- nombres_p1
nombres_p2<-c("n_74010_2", "n_74019_2", "a_74042_2", "a_74051_2")
colnames(chingos_p2)[2:5]<- nombres_p2
nombres_p3<-c("n_74010_3", "n_74019_3", "a_74042_3", "a_74051_3")
colnames(chingos_p3)[2:5]<- nombres_p3
nombres_p4<-c("n_74010_4", "n_74019_4", "a_74042_4", "a_74051_4")
colnames(chingos_p4)[2:5]<- nombres_p4
nombres_p5<-c("n_74010_5", "n_74019_5", "a_74042_5", "a_74051_5")
colnames(chingos_p5)[2:5]<- nombres_p5

#armar grupos por subespecie para graficar promedio de cada parche

chingos_p1_subsp <-gsub('[^an]', "", colnames(chingos_p1))[-1]
table(chingos_p1_subsp)
```

```
## chingos_p1_subsp
## a n
## 2 2
```

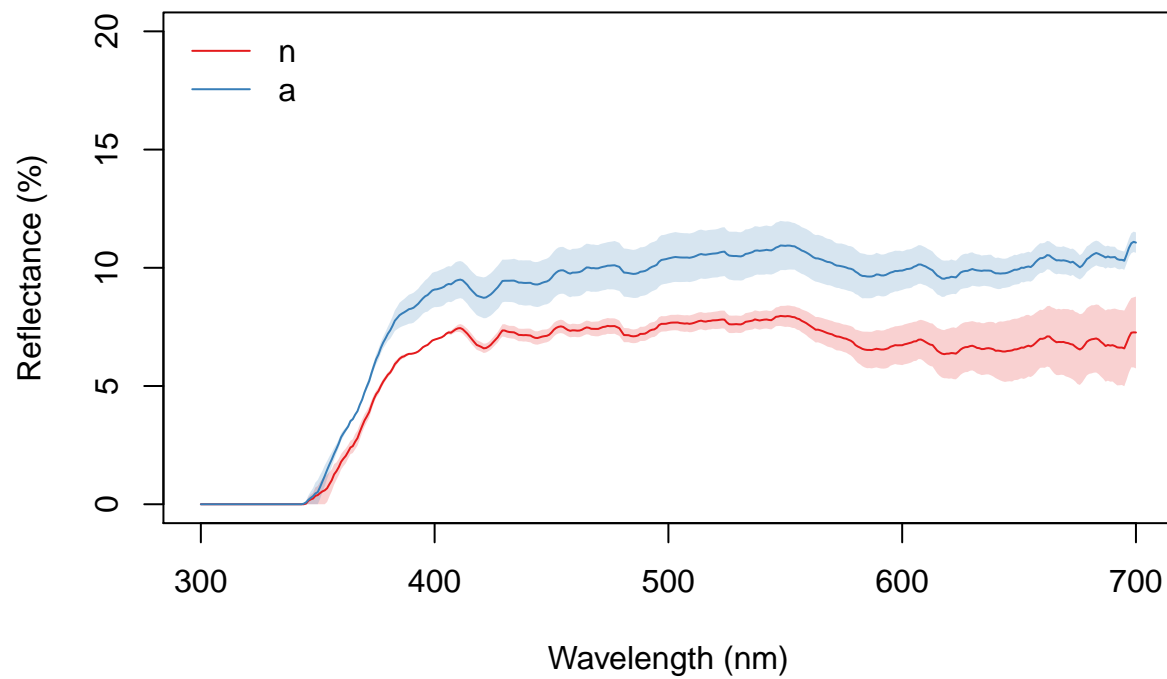
```
chingos_p1_spec_bysubsp <- aggspec(chingos_p1, by=chingos_p1_subsp, FUN=mean)
aggplot(chingos_p1, chingos_p1_subsp, FUN.error=function(x)sd(x)/sqrt(length(x)),
        legend=TRUE, ylim=c(0,20))
```



```
chingos_p2_subsp <- gsub('[^an]', '', colnames(chingos_p2))[-1]
table(chingos_p2_subsp)
```

```
## chingos_p2_subsp
## a n
## 2 2
```

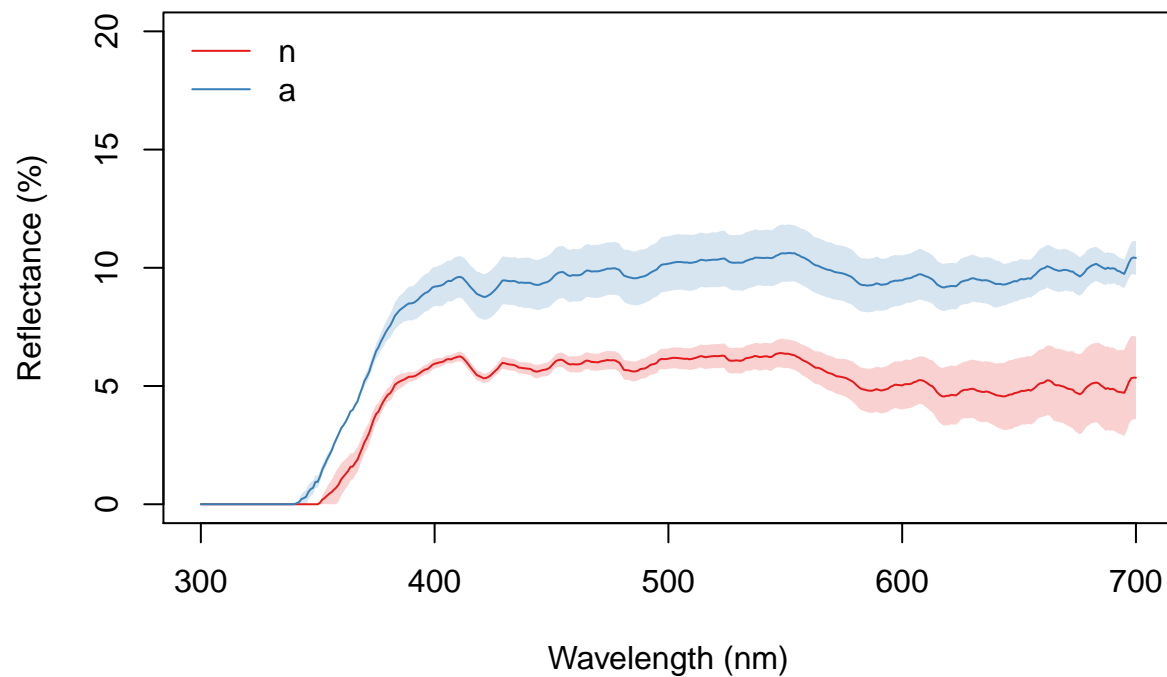
```
chingos_p2_spec_bysubsp <- aggspec(chingos_p2, by=chingos_p2_subsp, FUN=mean)
aggplot(chingos_p2, chingos_p2_subsp, FUN.error=function(x)sd(x)/sqrt(length(x)),
        legend=TRUE, ylim=c(0,20))
```



```
chingos_p3_subsp <- gsub('[^an]', "", colnames(chingos_p3))[-1]
table(chingos_p3_subsp)
```

```
## chingos_p3_subsp
## a n
## 2 2
```

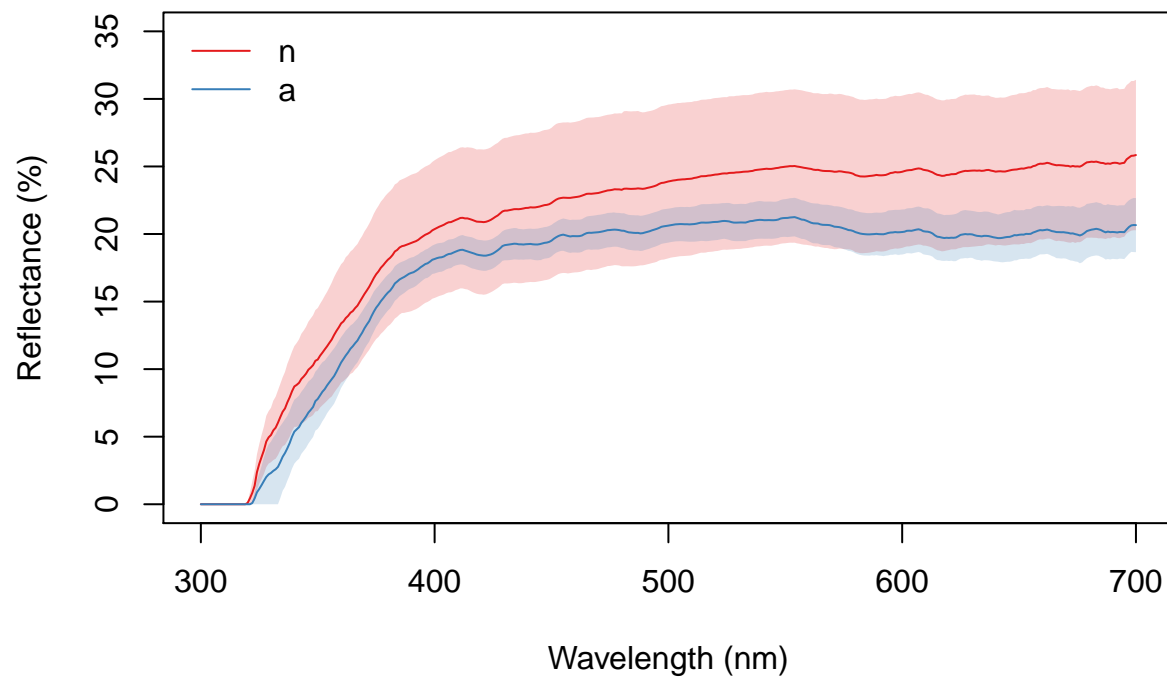
```
chingos_p3_spec_bysubsp <- aggspec(chingos_p3, by=chingos_p3_subsp, FUN=mean)
aggplot(chingos_p3, chingos_p3_subsp, FUN.error=function(x)sd(x)/sqrt(length(x)),
        legend=TRUE, ylim=c(0,20))
```



```
chingos_p4_subsp <-gsub('[^an]', "", colnames(chingos_p3))[-1]
table(chingos_p4_subsp)
```

```
## chingos_p4_subsp
## a n
## 2 2
```

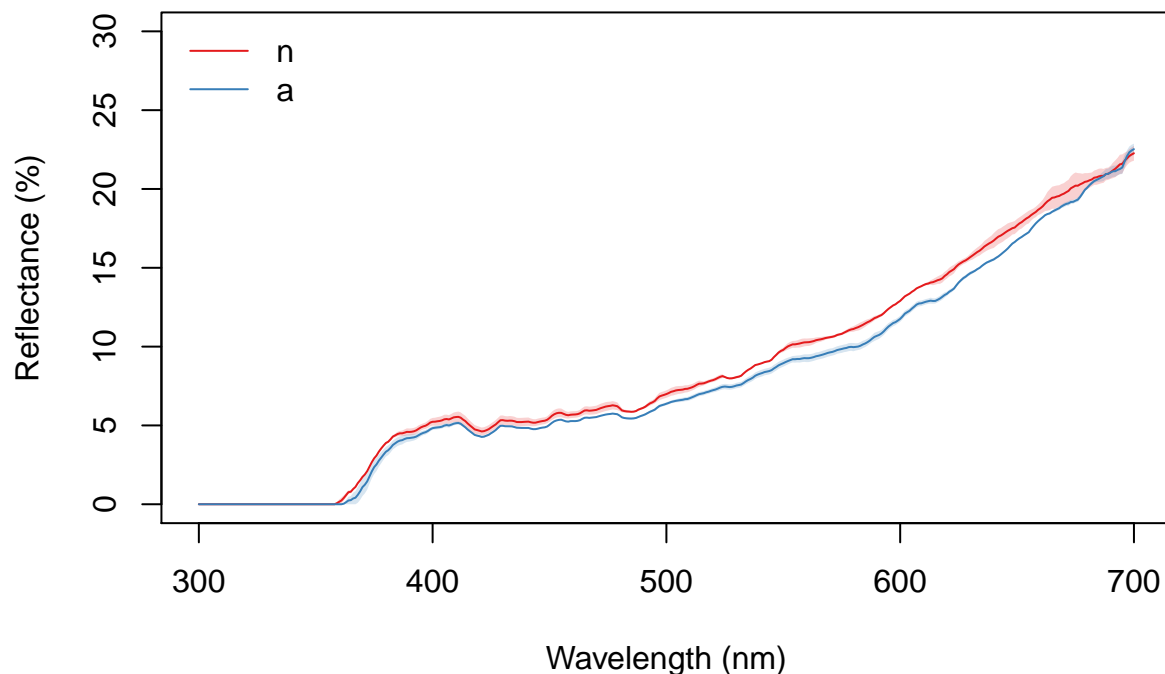
```
chingos_p4_spec_bysubsp <- aggspec(chingos_p4, by=chingos_p4_subsp, FUN=mean)
aggplot(chingos_p4, chingos_p4_subsp, FUN.error=function(x)sd(x)/sqrt(length(x)),
        legend=TRUE, ylim=c(0,35))
```



```
chingos_p5_subsp <- gsub('[^an]', '', colnames(chingos_p5))[-1]
table(chingos_p5_subsp)
```

```
## chingos_p5_subsp
## a n
## 2 2
```

```
chingos_p5_spec_bysubsp <- aggspec(chingos_p5, by=chingos_p5_subsp, FUN=mean)
aggplot(chingos_p5, chingos_p5_subsp, FUN.error=function(x)sd(x)/sqrt(length(x)),
        legend=TRUE, ylim=c(0,30))
```



Variables espectrales: creo que vale la pena guardarlas, despues ver cuales sirven (seguro B2 como indicador de brillo en la cabeza).

```
summary(chingos_p1)
```

```
##           B1          B2          B3          S1U          S1V          S1B          S1G
## n_74010_1 3989.894  9.949861 12.92376 0.10365982 0.1469348 0.3305210 0.2967768
## n_74019_1 3298.733  8.226267 11.65391 0.09501038 0.1352647 0.3108995 0.2960618
## a_74042_1 3254.536  8.116051 11.29104 0.10298461 0.1454429 0.3180347 0.2912912
## a_74051_1 3598.015  8.972606 11.76273 0.09650038 0.1408837 0.3353017 0.2973641
##           S1Y          S1R          S2          S3          S4          S5          S6
## n_74010_1 0.2267454 0.2779820 Inf 0.3131065 0.1499679 837.6045 12.92376
## n_74019_1 0.2315839 0.3068029 Inf 0.1685994 0.1155320 726.2372 11.65391
## a_74042_1 0.2257348 0.2965328 Inf 0.1632722 0.1330529 668.3493 11.29104
## a_74051_1 0.2261166 0.2798488 Inf 0.3145108 0.1441851 785.0787 11.76273
##           S7          S8          S9          S10          H1          H2          H3          H4          H5
## n_74010_1 -0.9489285 1.298889 0.02853079 0.1947916 552 691 368 1.600662 338
## n_74019_1 -0.9378606 1.416671 0.21596642 0.1636709 700 414 373 1.380548 338
## a_74042_1 -0.9385467 1.391199 0.18605010 0.1851031 700 414 371 1.454298 372
## a_74051_1 -0.9596559 1.310961 0.05434700 0.1890210 550 613 369 1.612229 372
```

```
summary(chingos_p2)
```

```
##           B1          B2          B3          S1U          S1V          S1B          S1G
## n_74010_2 2137.844  5.331283  7.540384 0.09379143 0.1438027 0.3645196 0.3059040
```



```
## n_74019_2 2561.147 6.386900 8.781826 0.08737044 0.1304052 0.3269440 0.2957535
## a_74042_2 3029.684 7.555322 10.666663 0.09146137 0.1336640 0.3195652 0.2967631
## a_74051_2 3557.938 8.872664 11.983808 0.08269254 0.1251787 0.3313721 0.3052176
##          S1Y          S1R  S2          S3          S4          S5          S6
## n_74010_2 0.2205562 0.2452679 Inf 0.3275080 0.1476498 519.5664 7.540384
## n_74019_2 0.2278418 0.2988001 Inf 0.1642938 0.1586522 577.2606 8.781826
## a_74042_2 0.2294882 0.3011175 Inf 0.1687409 0.1389415 675.3604 10.666663
## a_74051_2 0.2334710 0.2897530 Inf 0.3226960 0.1332460 852.7807 11.983808
##          S7          S8          S9          S10  H1  H2  H3          H4  H5
## n_74010_2 -0.9679969 1.414366 -0.21464975 0.2088308 548 614 372 1.867815 372
## n_74019_2 -0.9552987 1.374975 0.14082806 0.2181428 700 479 373 1.490833 367
## a_74042_2 -0.9502542 1.411808 0.19178706 0.1961587 699 414 373 1.446582 372
## a_74051_2 -0.9600750 1.350644 0.08107529 0.1799679 548 479 374 1.546817 369
```

```
summary(chingos_p3)
```

```
##          B1          B2          B3          S1U          S1V          S1B          S1G
## n_74010_3 1568.384 3.911181 6.049287 0.09594546 0.1523269 0.3954273 0.3080601
## n_74019_3 2084.308 5.197775 7.115350 0.09009013 0.1353323 0.3312436 0.2967228
## a_74042_3 2907.575 7.250811 9.732012 0.09966673 0.1436897 0.3261365 0.2925841
## a_74051_3 3555.130 8.865661 11.834746 0.08937350 0.1328109 0.3330212 0.3017504
##          S1Y          S1R  S2          S3          S4          S5          S6
## n_74010_3 0.2103397 0.2104911 Inf 0.3133059 0.1672424 426.3282 6.049287
## n_74019_3 0.2245298 0.2910296 Inf 0.1639271 0.1460147 466.3830 7.115350
## a_74042_3 0.2240888 0.2905541 Inf 0.1629099 0.1384178 609.4830 9.732012
## a_74051_3 0.2306631 0.2848885 Inf 0.3184400 0.1471232 815.9431 11.834746
##          S7          S8          S9          S10  H1  H2  H3          H4  H5
## n_74010_3 0.8952385 1.546665 -0.54776280 0.2586680 411 480 675 2.093064 373
## n_74019_3 -0.9635113 1.368922 0.13557297 0.1998828 699 479 372 1.543277 372
## a_74042_3 -0.9556196 1.342196 0.13139818 0.1857839 699 412 369 1.522361 372
## a_74051_3 -0.9585126 1.334897 0.04533347 0.1963944 552 479 372 1.576008 369
```

```
summary(chingos_p4)
```

```
##          B1          B2          B3          S1U          S1V          S1B          S1G
## n_74010_4 10183.031 25.39409 31.41200 0.1309878 0.1694510 0.3045541 0.2853316
## n_74019_4 6210.752 15.48816 20.27843 0.1146436 0.1526139 0.3021634 0.2925527
## a_74042_4 7420.215 18.50428 22.68015 0.1279608 0.1676529 0.3109917 0.2861698
## a_74051_4 6257.232 15.60407 19.82507 0.1086982 0.1506449 0.3265102 0.2943496
##          S1Y          S1R  S2          S3          S4          S5          S6
## n_74010_4 0.2257765 0.2875369 Inf 0.1541265 0.1069568 1738.712 31.41200
## n_74019_4 0.2318830 0.2991504 Inf 0.1610541 0.1110324 1220.752 20.27843
## a_74042_4 0.2244110 0.2833951 Inf 0.3009984 0.1179066 1290.145 22.68015
## a_74051_4 0.2275437 0.2792495 Inf 0.3100303 0.1575207 1263.222 19.82507
##          S7          S8          S9          S10  H1  H2  H3          H4  H5
## n_74010_4 -0.9357138 1.236981 0.11299476 0.1323035 700 684 354 1.411770 323
## n_74019_4 -0.9147398 1.309286 0.17440304 0.1453733 700 579 367 1.356127 323
## a_74042_4 -0.9366646 1.225670 0.08766327 0.1445147 554 613 356 1.474207 323
## a_74051_4 -0.9489626 1.270507 0.01679216 0.2001310 554 613 364 1.577574 334
```

```
summary(chingos_p5)
```

```
##           B1           B2           B3           S1U           S1V           S1B           S1G
## n_74010_5 3502.451 8.734291 22.74017 0.03851270 0.06279647 0.1903080 0.2777862
## n_74019_5 3348.281 8.349827 21.79339 0.03859393 0.06131657 0.1833415 0.2848043
## a_74042_5 3190.890 7.957333 22.87452 0.03864516 0.06257227 0.1852059 0.2689533
## a_74051_5 3199.230 7.978129 22.17835 0.03129506 0.05414288 0.1844376 0.2805265
##           S1Y           S1R  S2           S3           S4           S5           S6
## n_74010_5 0.2645597 0.5009752 Inf 0.2993612 0.2139371 1491.862 22.74017
## n_74019_5 0.2702235 0.5009060 Inf 0.2970763 0.1314206 1456.812 21.79339
## a_74042_5 0.2560252 0.5146457 Inf 0.3145065 0.1434986 1388.479 22.87452
## a_74051_5 0.2651893 0.5112923 Inf 0.3085856 0.1353705 1421.776 22.17835
##           S7           S8           S9           S10  H1  H2  H3           H4  H5
## n_74010_5 -0.16694673 2.603551 0.7489189 0.5569961 700 480 581 0.6029284 372
## n_74019_5 -0.19120228 2.610041 0.7599236 0.3430132 700 414 578 0.6042805 695
## a_74042_5 -0.07006112 2.874647 0.7794232 0.4125078 700 414 599 0.5615346 695
## a_74051_5 -0.11481993 2.779893 0.7730727 0.3763155 700 414 592 0.5995125 695
```

Calculo de dS (Vorobyev and Osorio 1998): los chingolos, como Emberizados, se supone que son UV-S. En el primer paso se calculan los quantum catches (cantidad de fotones que llegan a cada tipo de cono)

```
chingos_p1_uv <- vismodel (chingos_p1, visual="avg.uv", achromatic="bt.dc", relative=FALSE, vonkries=TRUE)
chingos_p2_uv <- vismodel (chingos_p2, visual="avg.uv", achromatic="bt.dc", relative=FALSE, vonkries=TRUE)
chingos_p3_uv <- vismodel (chingos_p3, visual="avg.uv", achromatic="bt.dc", relative=FALSE, vonkries=TRUE)
chingos_p4_uv <- vismodel (chingos_p4, visual="avg.uv", achromatic="bt.dc", relative=FALSE, vonkries=TRUE)
chingos_p5_uv <- vismodel (chingos_p5, visual="avg.uv", achromatic="bt.dc", relative=FALSE, vonkries=TRUE)
```

En el segundo paso calculamos los dS entre pares de subespecies propiamente dichos... hay que tener en cuenta que si la idea es comparar un gradiente de transicion este approach no funciona porque es para comparar grupos establecidos a priori. Podria indicar si hay diferencias perceptuales entre los extremos tal vez. Para ver la transicion habria que usar las variables espectrales me parece...

tambien creo que se podria hacer un “todos contra todos” y ver distancia de color versus longitud, por ejemplo. El problema con esto es que los colores con baja reflectancia, como el negro, suelen ser ruidosos y los valores de dS son muy sensibles a eso.

```
chingos_p1_dist_uv <- coldist (chingos_p1_uv, noise="neural", n=c(1,2,2,4), weber=0.1, subset=c("a", "n"))
```

```
## Calculating noise-weighted Euclidean distances
```

```
chingos_p2_dist_uv <- coldist (chingos_p2_uv, noise="neural", n=c(1,2,2,4), weber=0.1, subset=c("a", "n"))
```

```
## Calculating noise-weighted Euclidean distances
```

```
chingos_p3_dist_uv <- coldist (chingos_p3_uv, noise="neural", n=c(1,2,2,4), weber=0.1, subset=c("a", "n"))
```

```
## Calculating noise-weighted Euclidean distances
```

```
chingos_p4_dist_uv <- coldist (chingos_p4_uv, noise="neural", n=c(1,2,2,4), weber=0.1, subset=c("a", "n"))
```

```
## Calculating noise-weighted Euclidean distances
```

```
chingos_p5_dist_uv <- coldist (chingos_p5_uv, noise="neural", n=c(1,2,2,4), weber=0.1, subset=c("a", "n
```

```
## Calculating noise-weighted Euclidean distances
```

```
print(chingos_p1_dist_uv)
```

```
##      patch1    patch2      dS dL
## 1 n_74010_1 a_74042_1 0.3842916 NA
## 2 n_74010_1 a_74051_1 0.2968541 NA
## 3 n_74019_1 a_74042_1 0.5343222 NA
## 4 n_74019_1 a_74051_1 0.7953319 NA
```

```
print(chingos_p2_dist_uv)
```

```
##      patch1    patch2      dS dL
## 1 n_74010_2 a_74042_2 1.5799087 NA
## 2 n_74010_2 a_74051_2 1.4710078 NA
## 3 n_74019_2 a_74042_2 0.2668745 NA
## 4 n_74019_2 a_74051_2 0.3447655 NA
```

```
print(chingos_p3_dist_uv)
```

```
##      patch1    patch2      dS dL
## 1 n_74010_3 a_74042_3 2.4265599 NA
## 2 n_74010_3 a_74051_3 2.4150822 NA
## 3 n_74019_3 a_74042_3 0.4629268 NA
## 4 n_74019_3 a_74051_3 0.1221005 NA
```

```
print(chingos_p4_dist_uv)
```

```
##      patch1    patch2      dS dL
## 1 n_74010_4 a_74042_4 0.2067705 NA
## 2 n_74010_4 a_74051_4 0.8443501 NA
## 3 n_74019_4 a_74042_4 0.7048318 NA
## 4 n_74019_4 a_74051_4 0.7051904 NA
```

```
print(chingos_p5_dist_uv)
```

```
##      patch1    patch2      dS dL
## 1 n_74010_5 a_74042_5 0.1628102 NA
## 2 n_74010_5 a_74051_5 0.9466398 NA
## 3 n_74019_5 a_74042_5 0.3354434 NA
## 4 n_74019_5 a_74051_5 0.8683404 NA
```

No lo hice en este caso porque tenemos solo dos mediciones de cada grupo, pero para comparaciones con mayor cantidad de muestras se puede (debe) hacer un calculo del intervalo de confianza para el calculo de dS.

CONCLUSIONES: creo que vale la pena hacer mediciones de la cabeza, y de algunos otros parches para tener datos espectrofotometricos para incorporar al analisis, mas alla de lo que despues logremos hacer con

las fotos. Creo que con los espectros podemos ver por ej, si hay diferencias en los pigmentos (si las curvas son diferentes) o si son cambios de concentracion (creo que es lo que pasa). tambien al medir otros parches, mas alla de la cabeza, podemos ver si las diferencias en la deposicion de melaninas ocurren (con menor intensidad tal vez) tambien en otros parches de plumaje. Si las diferencias por ejemplo tuvieran que ver con necesidad de recibir mayor radiacion UV (porque viven muy al sur y hay poco sol) entonces se esperaria que todo el cuerpo sea mas clarito. Idem para la regla de Gloger, supongo. . . .

Proxima entrega, analisis con fotos.